

# VARIASI GEOGRAFIK DALAM STRUKTUR GENETIK POPULASI IKAN KAKAP MERAH, *Lutjanus malabaricus* (LUTJANIDAE) DAN INTERAKSI LINGKUNGAN DI LAUT JAWA

(Geographic Variation in Population Genetic Structure of Red Snapper, *Lutjanus malabaricus* (Lutjanidae) and Environmental Interaction in Java Sea)

Kadarwan Soewardi<sup>1</sup> dan Suwarso<sup>2</sup>

## ABSTRAK

Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui struktur genetik populasi ikan kakap merah (*Lutjanus malabaricus*; LUTJANIDAE). Struktur genetik dianalisis berdasarkan polimorfisme mtDNA. Karakter polimorfisme diperoleh dari analisis RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*). Populasi contoh berasal dari lima populasi ikan di Laut Jawa, yaitu Blanakan, Batang, Banyutowo, Tuban dan Kotabaru. Berdasarkan tipe-tipe restriksi yang ditemukan, setiap tipe restriksi berbeda dalam jumlah situs dan fragmen restriksi. Telah teridentifikasi 5-6 haplotipe diversitas haplotipe (h) tingkat populasi bervariasi antara 0.60-0.76, dimana untuk populasi ikan di wilayah timur cenderung lebih tinggi. Didasarkan pada analisis jarak genetik terdapat tiga unit stok ikan Kakap merah di Laut Jawa: Unit stok 1, populasi Blanakan, Batang dan Banyutowo; Unit stok 2, populasi Kotabaru; dan Unit stok 3, populasi Tuban. Penstrukturan genetik demikian juga ditegaskan melalui analisis varian molekuler (AMOVA) yang menyatakan perbedaan sangat nyata antara varian genetik populasi Tuban dengan keempat populasi lainnya. Dari fakta adanya pengelompokan struktur genetik populasi ini, strategi manajemen perikanan sebaiknya dilaksanakan secara lokal menurut unit stok

**Kata kunci:** kakap merah, populasi genetik, Laut Jawa.

## ABSTRACT

The study on characterization of red snapper (*Lutjanus malabaricus*; LUTJANIDAE) population based on mtDNA polymorphism in north coast of Java has been done. RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) method was used to identify mtDNA polymorphism. Fish samples were taken from 5 populations in Java sea namely, Blanakan, Batang, Banyutowo, Tuban and Kotabaru. The result shows that there are mtDNA polymorphism between fish samples. Based on the restriction site, there were 5-6 clone haplotypes were identified. Haplotype (h) diversity varied between 0.60 – 0.76, where there is a tendency that the fish population from eastern part of Java sea has higher diversity. Based on distance genetic analysis, there are three groups of population represent unit stock has been identified namely Blanakan, Batang and Banyutowo as the first stock unit, Kotabaru, the second stock unit and Tuban as the third stock unit. This three stock units were also significantly different as described by AMOVA (Analysis of Molecular Variance) where Tuban population has highly significant different from the other four populations. Based on this result, it is suggested that the management of red snapper population in Java sea has to be done partially according to each stock unit.

**Key words:** red snapper, genetic population, Java Sea.

## PENDAHULUAN

Ikan Kakap Merah (*Red Snapper*), *Lutjanus malabaricus*, adalah salah satu ikan demersal berukuran besar yang mempunyai nilai ekonomis penting karena permintaan pasar yang tinggi. Jenis ikan ini, dan juga Lutjanidae yang lain, terutama *Pristipomoides* (*Goldband snapper*), tersebar sangat luas dan telah dieksploitasi

secara intensif di perairan Indonesia. Daerah penangkapan saat ini berkembang mulai dari Laut Jawa hingga perairan sekitar Balikpapan, Bangka-Belitung dan Laut Cina Selatan. Dengan semakin meningkatnya eksploitasi dari tahun ke tahun, sudah saatnya diperlukan sistem manajemen yang lebih baik untuk tercapainya kelestarian populasi. Dalam jangka pendek sistem manajemen penangkapan ditujukan untuk menghindari terjadinya tangkap lebih terhadap stok ikan, sedangkan dalam jangka panjang sistem manajemen ditekankan terhadap perlindungan biodiversitas dari populasi ikan ini.

<sup>1</sup> Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Bogor.

<sup>2</sup> Badan Riset Kelautan dan Perikanan, Departemen Kelautan dan Perikanan.

Dalam penelitian ini dipelajari struktur genetik dari populasi ikan Kakap Merah yang tersebar di Laut Jawa sebagai dasar penentuan unit stok yang nantinya dapat dipergunakan sebagai landasan manajemen stok. Selain itu juga diduga hubungan filogeni dan filogeografik, perubahan molekuler didalam genom (mutasi) serta interaksi antara kondisi oseanografis dengan struktur genetik populasi tersebut.

## METODE PENELITIAN

Contoh ikan diambil dari beberapa lokasi yang berada pada daerah penangkapan di pantai utara Jawa, yaitu Blanakan (Jawa Barat), Batang dan Banyutowo (Jawa Tengah), Tuban (Jawa Timur); dan Laut Jawa bagian timur, yaitu sekitar Batulicin, Kotabaru, Kalimantan Selatan. Pengambilan contoh dilakukan beberapa kali selama Mei – Juni 2001, dan analisis contoh dilakukan pada Agustus 2001 di Laboratorium Bioteknologi, Balai Besar Riset Budidaya Pantai Gondol (Bali). Spesimen jaringan (daging) diperoleh dari ikan contoh yang dikumpulkan di tempat pendaratan ikan yang berdekatan dengan lokasi penelitian. Sebanyak 2-30 ekor ikan contoh dikumpulkan secara acak pada setiap lokasi; dari setiap ikan contoh diambil contoh daging bagian punggung dengan ukuran sekitar  $1 \times 1 \times 2 \text{ cm}^3$  atau daging yang ikut terpotong bersama sirip dada. Spesimen disimpan dalam tabung dan diawet dengan ethanol 95% kemudian dibawa ke laboratorium untuk dianalisis lebih lanjut.

Data genetik yang digunakan berupa data polimorfisme fragmen dan situs restriksi yang diperoleh dari hasil analisis RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) terhadap sekuen teramplifikasi (daerah control region, D-loop) dari genom mtDNA. Data genetik tersebut berupa data ukuran fragmen restriksi (*restriction fragment*), situs restriksi (*restriction sites*) dan distribusi frekuensi haplotipe. Amplifikasi genom mtDNA dilaksanakan melalui teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dengan menggunakan primer spesifik untuk ikan *Lutjanus*. Pemotongan sekuen teramplifikasi dilakukan dengan menggunakan tiga jenis enzim restriksi (*restriction endonuclease*), yaitu Alu I (5'-AG<sup>^</sup>CT-3'), Nla III (5'-CATG<sup>^</sup>-3') dan Xba I (5'-T<sup>^</sup>CTAGA-3') (tanda '<sup>^</sup>' menunjukkan titik pemotongan atau cleavage). Genom mtDNA diekstrak dari contoh jaringan otot (daging) yang diambil dari bagian punggung ikan atau pada pangkal sirip dada yang dipotong.

## Interpretasi dan Analisa Data

### Variasi pola fragmen

Visualisasi terhadap hasil elektroforesis di bawah sinar ultraviolet akan memberikan pita tunggal (*single band*) DNA (elektroforesis dengan gel agarose 1%) dan pola-pola fragmen DNA hasil digesti enzim restriksi (elektroforesis dengan gel agarose 1.5%). Ukuran panjang pita tunggal DNA dan potongan fragmen hasil restriksi dapat ditera pada marker DNA lader 100 bp. Hasil tera tersebut diketahui sebagai ukuran panjang dari sekuen teramplifikasi (daerah kontrol yang dianalisis). Setiap contoh akan memberikan pola fragmen tertentu yang terdiri dari satu atau lebih fragmen DNA hasil digesti yang merupakan ciri genotip individu dari enzim yang bersangkutan. Dua pola disebut berbeda bila paling tidak memiliki satu fragmen dengan mobilitas (ukuran) berbeda. Pola-pola yang sama yang merupakan tipe genotip dari suatu enzim dicirikan dengan suatu kode huruf (*letter code*), dengan demikian kombinasi klonal genotip yang merupakan gabungan dari ketiga tipe genotip (*composite letter code*) dari ketiga enzim merupakan 'tipe haplotip' dari setiap individu ikan contoh.

### Analisa Data

Divergensi Intrapopulasi diukur berdasarkan parameter 'diversitas haplotipe' (*h*) dengan memanfaatkan data distribusi frekuensi haplotipe (nukleomorf). Diversitas haplotipe (*h*) dihitung menurut persamaan Nei dan Tajima (1981):

$$h = \frac{n}{n-1} \left( 1 - \sum x_i^2 \right)$$

dimana *n* adalah jumlah spesimen;  $x_i$  adalah frekuensi haplotipe ke-*i* dari contoh.

Divergensi Interpopulasi dipelajari berdasarkan parameter jarak genetik ( $\delta$ ) dan analisis statistik terhadap data perbedaan situs restriksi (Nei dan Tajima, 1981):

1. Jarak genetik antar populasi dihitung dengan persamaan Reynolds *et al.* (1983):  $D = -\ln(1-\theta)$ ,  $\theta$  adalah Indeks Fiksasi *FST* 'Wright' (1951).  $\theta$  diperoleh melalui analisa varian terhadap frekuensi gen/allelel dalam suatu unit populasi. Indeks Fiksasi (*FST*) dihitung dengan  $\theta (= FST) = a/(a+b+c)$ , *a* komponen varian pada tingkat populasi total, *b* komponen varian tiap subpopulasi, *c* komponen varian dari

korelasi antara gamet pada tingkat individu (nilainya nol untuk data haploid),  $a+b+c$  varian total.

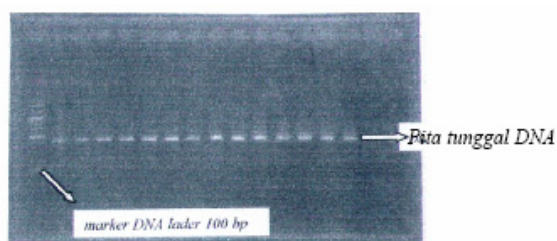
2. Analisis statistik dilaksanakan terhadap data situs restriksi dan haplotipe untuk menguji derajat perbedaan diantara populasi berdasarkan metode jarak. Komputasi dilaksanakan dengan menggunakan perangkat lunak ARLEQUIN (Schneider *et al.*, 1997).

Hubungan filogenetik diantara populasi contoh digambarkan dalam bentuk dendrogram berdasarkan analisis kluster terhadap nilai jarak genetik menurut metode jarak rata-rata UPGMA, *Unweighted Pair Group Method by Average* (Bermingham, 1990).

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Variabilitas Genetik DNA Mitochondria

Sekuen yang teramplifikasi dari daerah kontrol region (D-loop) mtDNA Kakap Merah memiliki ukuran panjang total yang bervariasi antara 410-470 bp (hasil restriksi) dimana masing-masing berbeda dalam jumlah situs dan fragmen restriksi yang dihasilkan. Berdasarkan sekuensing pada urutan basa nukleotida, Lloyd *et al.* (1996) melaporkan bahwa ukuran daerah kontrol ini pada Gold-band snapper (*Pristipomoides multidens*, Lutjanidae) adalah 360 bp yang umumnya hampir sama dengan teleostei hipervariabel 183-187 (Gambar 1).



**Gambar 1.** Contoh Produk Amplifikasi Daerah Kontrol Region dari Genom MtDNA Kakap Merah (*Lutjanus Malabaricus*) dengan Menggunakan Primer TDKD dan PRO

Dari 81 individu ikan contoh (dari seluruh lokasi pengambilan contoh) yang dianalisis, variasi dalam jumlah situs dan ukuran fragmen ditemukan dari keseluruhan 8 tipe restriksi dan 14 fragmen restriksi yang diperoleh, enzim Alu I dan Xba I masing-masing menghasilkan 3 frag-

men restriksi dan hanya 1 situs, sedang enzim Nla III dapat menghasilkan 8 fragmen dan 4 situs (Tabel 1 dan 2).

**Tabel 1.** Ukuran Sekuen Teramplifikasi, Jumlah Situs dan Fragmen Daerah Kontrol Region MtDNA Kakap Merah (*Lutjanus Malabaricus*) di Laut Jawa Hasil Digesti Enzim Restriksi.

Enzim Res-triksi	Tipe	Ukuran Produk Restriksi		Contoh (n)
		Fragmen Teramplifikasi (bp)	Jumlah Situs	Jumlah Fragmen
Alu I	A	470	1	2
	B	450	No sites	1
Nla III	A	470	1	2
	B	470	2	3
	C	450	No sites	1
	D	470	1	2
Xba I	A	410	1	2
	B	450	No sites	1

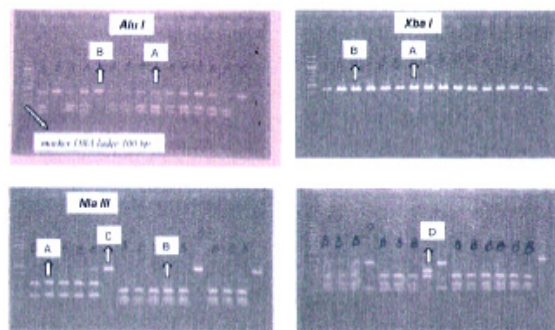
**Tabel 2.** Poliformisme Panjang Fragmen (RFLP) Hasil Digesti Enzim Alu I, Nla III, dan Xba I pada Kontrol Region MtDNA Kakap Merah (*Lutjanus Malabaricus*) di Laut Jawa.

Panjang Fragmen (bp)	Alu I		Nla III			Xba I	
	Tipe A	Tipe B	Tipe A	Tipe B	Tipe C	Tipe D	Tipe A
450		—			—		—
360						—	
290			—				
260	—						
220							—
210	—			—			
200							
190							—
180			—				
150				—			
110				—		—	

Penggunaan tiga enzim restriksi ini menunjukkan variabilitas yang cukup tinggi, walau idealnya lebih banyak enzim adalah lebih baik. Dari 81 spesies individu ikan contoh, tiga enzim dapat menghasilkan 11 haplotipe (*composite clonal*). Pada spesies yang sama di Australia, dengan menggunakan 5 enzim restriksi mendapatkan 20 haplotipe dari 271 ikan yang dipe-

riksa (Elliot, 1996). Lloyd *et al.* (1996) juga mendapatkan 35 haplotipe dari 677 ikan contoh *P. multidentis* (Lutjanidae) di Australia yang diperiksa dengan 5 enzim restriksi. Konfirmasi jumlah haplotipe spesies ini di daerah penelitian diperkirakan akan diperoleh bila digunakan contoh yang banyak dan berasal dari pengambilan contoh yang benar-benar acak.

Keragaman tipe restriksi di atas pada dasarnya merupakan variasi dalam situs restriksi yang mengakibatkan keragaman individu intra maupun inter populasi. Jadi, populasi ikan di wilayah timur diduga memiliki keragaman genetik lebih tinggi dengan jumlah haplotipe yang cenderung lebih banyak (5-6 haplotipe).



**Gambar 2.** Contoh Pola-Pola Fragmen yang Muncul dari Hasil Digesti Enzim Restriksi pada Sekuen Teramplifikasi Genom MtDNA Kakap Merah (*Lutjanus Malabaricus*) di Laut Jawa (Huruf Kapital Menunjukkan Tipe Restriksi Enzim yang Bersangkutan).

### Pola Penstrukturan Populasi

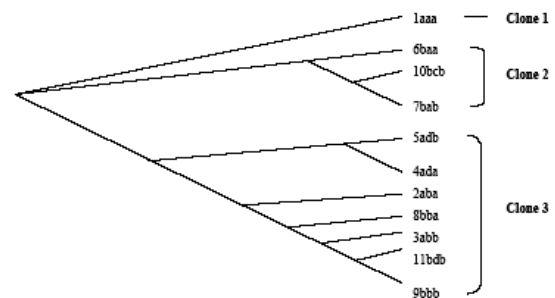
Dugaan nilai diversitas haplotipe ( $h$ ) tingkat regional (total) sebesar  $0.70 \pm 0.066$  dan tingkat populasi antara  $0.60 - 0.76$  adalah intermediate diantara nilai-nilai yang pernah dilaporkan bagi spesies ikan lain di berbagai perairan, namun demikian cukup tinggi untuk ukuran 'heterogeneity' genetik spesies ini. Hal tersebut dapat dilihat pada Tabel 3.

Heterogeneity genetik yang signifikan juga dilaporkan untuk spesies yang sama di perairan utara Australia, yaitu dengan diversitas haplotipe  $0.73$  untuk tingkat regional dan  $0.597 - 0.787$  untuk tingkat populasi (Elliot, 1996).

Pemolaan geografik dari keragaman haplotipe intrapopulasi tidak nampak jelas, namun

terdapat kecenderungan bahwa keragaman haplotipe pada populasi ikan di Blanakan dan Batang lebih rendah dibanding populasi lainnya di wilayah timur, yaitu Bondowoso, Tuban dan Kotabaru. Didasarkan nilai ' $h$ ' yang tinggi pada populasi ikan di wilayah timur, kemungkinan telah terjadi perubahan genetik tingkat DNA pada populasi ikan di Tuban dan Kotabaru.

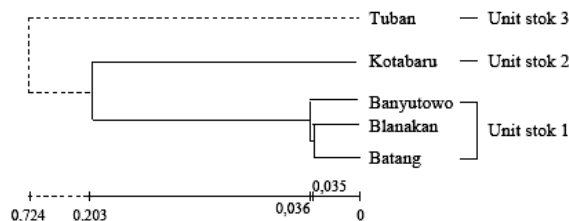
Dalam populasi Kotabaru terdeteksi satu haplotipe terkini (BCB) yang tidak terdeteksi dalam populasi lain dan posisinya terdapat pada percabangan paling jauh, sedang mutasi molekuler yang terjadi dalam populasi Tuban terefleksi dalam susunan dua haplotipe yang paling sering muncul (ABA dan ABB) dimana komposisi kedua haplotipe itu berbeda nyata (berbalik-an) dengan empat populasi lainnya (Gambar 3).



**Gambar 3.** Dendrogram Filogeni diantara 11 Klonal Haplotipe Kakap Merah di Laut Jawa Menurut Maximum Likelihood Method.

Pola yang lebih jelas terlihat melalui pengelompokkan haplotipe kedalam Clonal group berdasarkan filogeni haplotipe. Populasi ikan di wilayah barat (Blanakan dan Batang) hanya tersusun dari Clone 3 (7 haplotipe), semakin ke timur dominasi Clone 2 (3 haplotipe termasuk haplotipe BCB) semakin tinggi, kontribusi ketiga Clone (1,2,3) ditemukan pada populasi Banyutowo. Kontribusi clone 2 tampak lebih tinggi pada populasi Tuban dan Kotabaru, masing-masing 40% dan 23.5%. Hasil analisis 'UPGMA method' menunjukkan ada penstrukturan genetik yang jelas dalam populasi Kakap merah di perairan ini yang terlihat dalam bentuk pemisahan (subdivisi) genetik. Empat populasi ikan di sepanjang pantai utara Jawa (dari Blanakan sampai Banyutowo) dan sekitar Kotabaru membentuk satu kluster (satu unit populasi) yang terpisah dengan populasi Tuban yang membentuk kelompok (unit) tersendiri. Dendrogram hu-

bugan kekerabatan antar populasi (filogeni) kakap merah di Laut Jawa menurut metode UPGMA terhadap rata-rata jarak genetik yang diperoleh dengan menggunakan program PHYLIP dapat dilihat pada Gambar 4.



**Gambar 4.** Dendrogram Hubungan Kekerabatan (Filogeni) Lima Populasi Kakap Merah di Laut Jawa, menurut *UPGMA Method*.

Dugaan subdivisi genetik pada populasi ikan ini juga didukung oleh data frekuensi haplotipe; frekuensi dua jenis haplotipe yang paling sering muncul (ABA dan ABB), pada populasi Tuban komposisinya sangat berbeda dengan keempat populasi lain, yaitu masing-masing 45% dan 5% untuk populasi Tuban, sedang untuk populasi lainnya memiliki komposisi yang sebaliknya yaitu antara 6.3 – 29.4% untuk haplotipe ABA dan 41.2 – 62.5% untuk haplotipe ABB. Pola kesamaan pada keempat populasi ikan juga terlihat dari frekuensi haplotipe secara umum. Diferensiasi frekuensi haplotipe yang signifikan juga terobservasi pada penstrukturan populasi *Lutjanus malabaricus* di perairan sebelah utara Australia (Elliot, 1996). Dominasi haplotipe yang paling sering muncul berbeda diantara stok ikan dapat dilihat pada Tabel 4.

**Tabel 3.** Indeks Diversitas Haplotipe (*h*) Beberapa Spesies Ikan di Berbagai Wilayah Geografik Data RFLP dengan Menggunakan Jumlah Contoh dan Enzim Restriksi yang Berbeda-Beda

Spesies	<i>h</i>	Pustaka
Atlantic menhaden ( <i>Brevoortia tyrannus</i> )	0.99	*
Varmouth sunfish ( <i>Lepomis gulosus</i> )	0.97	Bermingham & Avise (1986)
European whitefish ( <i>Coregonus lavaretus</i> )	0.95	*
Atlantic herring ( <i>Clupea harengus</i> )	0.91	*
Pacific herring ( <i>C. harengus pallasi</i> )	0.91	*
Browfin ( <i>Amia calva</i> )	0.81	Bermingham & Avise (1986)
Cisco ( <i>Coregonus artedii</i> )	0.79	Bermingham (1990)
American shad ( <i>Alosa sapidissima</i> )	0.79	*
Red snapper ( <i>Lutjanus malabaricus</i> )	0.78	Present study
Lake trout ( <i>Salvelinus namaycush</i> )	0.77	*
Red snapper ( <i>Lutjanus malabaricus</i> )	0.73	Elliot (1996)
Brown trout ( <i>Salmo trutta</i> )	0.72	*
Sunfish ( <i>Lepomis microlophus</i> )	0.68	Bermingham & Avise (1986)
Chinook salmon ( <i>Oncorhynchus tshawytscha</i> )	0.60	*
Walleye ( <i>Stizostedion vitreum</i> )	0.55	Bermingham & Hebert (1988)
American eel ( <i>Anguilla rostrata</i> )	0.54	*
Catfish ( <i>Arius felis</i> )	0.47	*
Lake whitefish ( <i>Coregonus clupeaformis</i> )	0.31	*

**Tabel 4.** Distribusi Haplotipe (*Composite Clonal*) dan Frekuensinya yang Diobservasi pada Lima Populasi Kakap Merah (*Lutjanus malabaricus*) di Laut Jawa.

Clone	Composite	Total	Blanakan	Batang	Banyutowo	Tuban	Kotabaru
1	AAA	1	-	-	0.071	-	-
2	ABA	18	0.143	0.063	0.071	0.450	0.294
3	ABB	33	0.571	0.623	0.500	0.050	0.412
4	ADA	2	-	0.063	-	0.050	-
5	ADB	7	0.143	0.188	0.071	-	0.059
6	BAA	4	-	-	-	0.200	-
7	BAB	7	-	-	0.071	0.200	0.118
8	BBA	1	-	0.063	-	-	-
9	BBB	5	0.071	-	0.214	0.050	-
10	BCB	2	-	-	-	-	0.118
11	BDB	1	0.071	-	-	-	-
		<b>81</b>	<b>14</b>	<b>16</b>	<b>14</b>	<b>20</b>	<b>17</b>

**Tabel 5. Analisis Varian Molekuler AMOVA Lima Populasi Kakap Merah (*Lutjanus malabaricus*) di Laut Jawa.**

Sumber Keragaman	db	Jumlah Kuadrat	Komponen Ragam	Persentase Keragaman	$\phi_{ST}$
Antar populasi	4	10.248	0.10899	11.93	0,1193
Didalam populasi	76	61.159	0.80472	88.07	0.8807
<b>Total</b>	<b>80</b>	<b>71.407</b>	<b>0.91372</b>	<b>100.00</b>	

Penegasan terdapatnya penstrukturan genetik yang signifikan diantara populasi ikan diperoleh dari hasil analisa varian molekuler (AMOVA) terhadap data RFLP yang tersedia. Nilai varian genetik antara populasi Tuban dengan keempat populasi tersebut berbeda sangat nyata (selalu lebih besar) dibanding diantara keempat populasi yang selalu rendah; sedang populasi Kotabaru memiliki varian genetik yang berada diantara kedua kelompok. Perbedaan juga terlihat pada perbedaan nilai probability (p) bagi  $F_{ST}$  (Tabel 5 dan 6).

**Tabel 6. Pairwise Genetik Distance bagi Nilai  $F_{ST}$  (Diagonal Bawah) dan Nilai Peluang (P)  $F_{ST}$  dengan Jumlah Permutasi 100 (Diagonal Atas).**

Populasi	Blanakan	Batang	Banyutowo	Tuban	Kotabaru
Blanakan	-	0.91	0.46	0.00	0.27
Batang	-0.0591	-	0.41	0.00	0.23
Banyutowo	-0.0226	0.0115	-	0.01	0.73
Tuban	0.2662	0.2757	0.1569	-	0.02
Kotabaru	0.0096	0.0206	-0.0435	0.0913	-

Pola penstrukturan genetik seperti diuraikan diatas dapat diinterpretasikan bahwa *gene flow* diantara seluruh populasi ikan di Laut Jawa tidak terjadi secara bebas, tetapi ada restriksi *gene flow* pada populasi Tuban dan Kotabaru.

### Implikasi Manajemen Perikanan

Pada suatu populasi ikan yang tersebar dalam suatu area geografi dan mengalami penstrukturan genetik secara spasial, diperlukan manajemen perikanan yang berlandaskan pada unit biologi yang disebut "unit stok" (Mustafa, 1999). Analisis genetik pada genom mtDNA terhadap lima populasi contoh menunjukkan terdapat penstrukturan genetik yang jelas pada sumberdaya kakap merah di Laut Jawa; tiga unit stok dapat diidentifikasi keberadaannya dan masing-masing berbeda secara genetik (*distinct*): Unit stok I, ditemukan di perairan sekitar

Tuban (populasi Tuban); Unit stok II, tersebar di pantai utara Jawa (dari Blanakan sampai Banyutowo); dan Unit III di sekitar Kotabaru. Berdasarkan temuan tersebut, manajemen perikanan yang diterapkan pada komoditi ini seyogyanya dengan memisahkan ketiga unit stok sebagai unit manajemen tersendiri. Apabila didefinisikan menurut ekologi, unit stok pantai utara Jawa dan sekitar Kotabaru dapat dianggap sebagai stok laut dangkal (*coastal stock*), dan unit stok Tuban dianggap sebagai stok laut dalam (*oceanic stock*).

Untuk menunjang manajemen berbasis stok seperti itu data dan informasi tentang *life history* tetap diperlukan. Survei eksplorasi sangat penting dilakukan sebagai konfirmasi hasil penelitian sehubungan dengan keterbatasan lokasi contoh, sistim sampling, jumlah contoh ikan dan penggunaan enzim restriksi yang lebih banyak untuk mengantisipasi kelemahan teknik RFLP. Survei eksplorasi juga dapat diarahkan untuk mengidentifikasi batas geografi dari sebaran ikan-ikan dewasa beserta larvanya (*breeding barrier*) karena informasi ini sangat kritis untuk manajemen yang efektif. Distribusi geografi yang luas dan kontinyu dari satu unit stok (unit manajemen) tidak menjamin homogenitas populasi, tidak hadirnya *breeding barrier* atau *breeding* populasi dan *multiple spawning* yang umumnya diabaikan (Ruzzante *et al.*, 1996).

### KESIMPULAN

Variabilitas genom yang mencirikan sifat polimorfisme enzim ditunjukkan oleh tipe-tipe restriksi yang muncul dari sekuen teramplifikasi (410-470 bp), yaitu berupa variasi jumlah situs dan ukuran fragmen restriksi serta variasi dalam distribusi frekuensi haplotipenya. Dari 8 tipe restriksi yang teridentifikasi ditemukan sebanyak 11 clonal line (haplotipe) dalam keseluruhan populasi, tetapi dalam tiap populasi hanya 5-6 haplotipe.

Dugaan keragaman haplotipe (h) tingkat populasi 0.60 – 0.76 (rata-rata  $0.70 \pm 0.066$ ), sedang tingkat regional 0.78. Populasi ikan di wilayah timur (Banyutowo, Tuban, Kotabaru) cenderung memiliki keragaman lebih tinggi.

Terdapat penstrukturasi genetik yang jelas sebagai gambaran subdivisi populasi menjadi tiga unit stok ikan, yaitu unit stok Blanakan-Batang-Banyutowo, unit stok Kotabaru dan unit stok Tuban. Perbedaan ketiga unit stok ditunjukkan oleh rata-rata jarak genetik (dalam dendrogram filogeni) serta didukung dan ditegaskan oleh perbedaan frekuensi haplotipe dan nilai varian genetik ( $\Phi_{ST}$ ) antara populasi. Dugaan subdivisi genetik tersebut menjelaskan bahwa gene flow secara bebas terjadi dalam ketiga populasi pantai utara Jawa, sedang restriksi gene flow terjadi pada populasi Tuban dan Kotabaru.

Kesebelas haplotipe juga dapat dikelompokkan menjadi 3 clonal group dimana satu diantaranya (clonal group 3, terdiri dari 7 jenis haplotipe) dominan dalam tiap populasi, namun ke arah timur dominasinya semakin kecil. Dominasi clonal group tersebut ditentukan oleh dua jenis haplotipe yang memiliki frekuensi paling tinggi (60.6%) dan menentukan perbedaan ketiga unit stok. Satu jenis haplotipe lainnya, BCB (termasuk clonal group 2), diduga merupakan haplotipe baru yang hanya ditemukan dalam populasi Kotabaru.

## PUSTAKA

- Bermingham, E. 1990. **Mitochondrial DNA and the analysis of fish population structure**. In: D.H. Whitmore, Ph.D. (Ed.), *Electrophoretic and Isoelectric Focusing Techniques in Fisheries Management*. CRC Press, Inc., Boca Raton, Florida 107-129.
- Bermingham, E. and J. C. Avise. 1986. **Molecular zoogeography of freshwater fishes in the Southeastern United States**. *Genetics* 113, 939-965.
- Bermingham, E. and P. D. N. Hebert. 1991. **Mitochondrial DNA diversity in fishes and its implications for introductions**. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, Vol. 48 (Supl. 1): 80-94.
- Elliot, N.G. and R. D. Ward. 1995. **Genetic relationships of eight species of Pacific Tunas (Teleostei-Scombridae) inferred from allozyme analysis**. *Mar. Freshwater Res.* 47(7), 869-876.
- Elliot, N.G. 1996. **Allozyme and mitochondrial DNA analysis of the Tropical saddle-tail sea perch, *Lutjanus malabaricus* (Schneider), from allozyme analysis**. *Mar. Freshwater Res.* 47 (7), 869-876.
- Llyod, J., J. Ovenden, S. Newman and C. Keenan. 1996. **Stock structure of *Pristipomoides multidens* resources across Northern Australia**. Fishery Report, 49. Western Australia Department of Primary Industry and Fisheries, Darwin.
- Mustafa, S. 1999. **Introduction**. In: S. Mustafa (Ed.), *Genetics in sustainable fisheries management*. Fishing News Books, London. 3-23.
- Nei, M. and F. Tajima. 1981. **DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases**. *Genetics* 967, 145-163.
- Reynolds, J., B. S. Weir and C. C. Cockerham. 1983. **Estimation for the coancestry coefficient: Basis for a short-term genetic distance**. *Genetics* 105: 767-779.
- Ruzzante, D. E., C. T. Taggart and D. Cook. 1996. **Spatial and temporal variation in the genetic composition of larvae cod (*Gadus morhua*)**. *Canadian J. Fish. Aq. Sci.* 53, 187-199.
- Schneider, S., J. M. Kueffer, D. Roessli and L. Excoffier. 1997. **Arlequin: A software for population genetics data analysis**. Version 1.1. *Genetics and Biometry Lab.*, Dept. of Anthropology, University of Geneva.